

A SZARVASMARHA DGAT1 GÉN K232A POLIMORFIZMUS HATÁSA HOLSTEIN-FRÍZ ÉS JERSEY TEHENEK TEJTERMELÉSI TULAJDONSÁGAIRA

FARKAS VALÉRIA – KOVÁCS KATALIN – HOLLÓ GABRIELLA – ZSOLNAI ATTILA – SZABÓ FERENC – ANTON ISTVÁN

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerzők 417 holstein-fríz és 341 jersey tejelő tehén DGAT1 polimorfizmus vizsgálatát végezték el. A vér- és szőrminták tipizálásához Rotor Gene RG 3000 típusú Real-Time PCR készüléket használtak. A kísérlet során a szarvasmarha DGAT1 gén két változatát (AA, GC) azonosították. A genotípusok, valamint holstein-fríz fajta esetében három, míg a jersey fajta esetében kétlaktációs tejtermelési tulajdonságok közötti összefüggés feltárására többtényezős varianciaanalízist végeztek (SPSS 14.0). Holstein-fríz fajta esetében az AA allél (lizin variáns) gyakorisága 0,22; a GC allélé pedig 0,78; míg a jersey fajtánál 0,81 (AA) és 0,19 (GC) volt. Holstein-fríz fajta esetében a három genotípus megoszlása 4,32% (AA/AA); 35,49% (AA/GC); 60,19% (GC/GC) volt, a jersey fajtánál a következőképpen alakult: 68,33% (AA/AA); 25,22% (AA/GC); 6,45% (GC/GC). A statisztikai elemzés a holstein-fríz fajta esetében 305 napos tejtermelési adatok (tejhozam (kg), tejszír %, a tejfehérje %, tejfehérje kg), a legnagyobb napi tej (kg) és az átlag napi tejmennyiség (kg), valamint a DGAT1 genotípusok között szignifikáns kapcsolatot mutatott. A jersey fajta esetében 305 napos tejtermelési adatok (tejhozam (kg), tejszír %, tejszír kg, a tejfehérje %, tejfehérje kg) és az átlag napi tejmennyiség (kg), valamint a DGAT1 genotípusok között szintén szignifikáns kapcsolatot mutatott.

SUMMARY

Farkas, V. – Kovács, K. – Holló, G. – Zsolnai, A. – Szabó, F. – Anton, I.: EFFECT OF THE DGAT1 GENE K232A POLYMORPHISM ON MILK PRODUCTION TRAITS IN HUNGARIAN HOLSTEIN-FRIESIAN AND JERSEY COWS

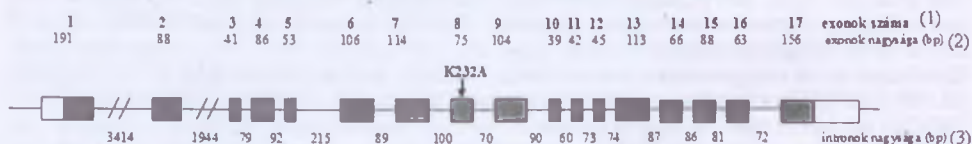
417 Hungarian Holstein-Friesian and 341 Jersey cows were typed for the bovine DGAT1 gene using a TaqMan allelic discrimination method in a Rotor-Gene RG 3000 Real-Time PCR system (Corbett Research). Among the blood and hair samples examined AA and GC versions of the gene were identified. Dataset was analysed with SPSS 14.0 for Windows software. Multivariate analysis of variance (general linear model, GLM) were used to evaluate the relationship between genotypes and milk production traits. Milk production data were recorded in the Hungarian Holstein-Friesian in three and in the Jersey cows two consecutive lactations. Allele frequencies for AA and GC alleles were 0.22 and 0.78 for Hungarian Holstein-Friesian breed and 0.81 and 0.19 for Jersey breed, respectively. Distribution of the three genotypes (AA/AA, AA/GC, GC/GC) were 4.32% (AA/AA); 35.49% (AA/GC); 60.19% (GC/GC) for Hungarian Holstein-Friesian cows and 68.33% (AA/AA); 25.22% (AA/GC); 6.45% (GC/GC) for Jersey cows. In case of Hungarian Holstein-Friesian breed, statistical analyses proved significant relationship between DGAT1 genotypes and 305-day milk production traits (milk yield, milk fat percent, milk protein percent, milk protein yield), as well as maximum and average monthly milk yield. For Jersey breed, the used statistical methods confirmed significant relationship between DGAT1 genotypes and 305-day milk production traits (milk yield, milk fat percent, milk fat yield, milk protein percent, milk protein yield), and average monthly milk yield.

BEVEZETÉS

A gazdasági állatfajok közül a szarvasmarha-tenyésztés hazánkban és világviszonylatban is igen nagy jelentőségű ágazata a mezőgazdaságnak. Magyarországon a szarvasmarhák száma több évtizedes mérséklődést követően a 2000-es évek végén stabilizálódott, 2010-ben azonban tovább csökkent. (KSH, 2010). A szarvasmarha-tenyésztés az elsősorban emberi táplálékként hasznosított tej- és hústermelés mellett fontos ipari nyersanyagokat is előállít. A legújabb kutatási eredményeket összegezve egyértelműen megállapítható, hogy az összes élelmiszer közül a tej és a belőle készített termékek a leggazdagabbak a bioaktív anyagokban. Ez a megállapítás a tej valamennyi makro- és mikro alkotórész-csoportjára vonatkozik, közte a sokat támadott tejszírra is.

Napjainkban a gazdasági állatok tenyésztési programjában jól alkalmazhatók a különböző genetikai markerek, melyek segítségével, fontos kvantitatív (termelési) tulajdonságokat (tejhozam, tejszír- és fehérje mennyiség, hústermelés) kódoló (poli)gének (QTL=Quantitative Trait Loci) azonosíthatók. A szarvasmarha QTL adatbázisa (Cattle QTL Database) szerint jelenleg, 378 különféle mennyiségi tulajdonsághoz kapcsolt 5207 QTL-t sikerült azonosítani. Ezek közül a legtöbbet, 1485 QTL-t a tejtermeléssel kapcsolatos értékmérő tulajdonságok esetében írtak le. Ha pedig a kromoszómákon való eloszlásukat vesszük figyelembe a legtöbb QTL-t ez idáig a 6-os (441-et) és a 14-es (469-at) kromoszómákon detektálták (www.animalgenome.org). Mára a kutatások fő célja lett a QTL-ek mögött rejlő mutációkat hordozó gének azonosítása. Így került a diacilglicerol-O-acyltransferáz (DGAT1) a tejösszetétel irányított megváltoztatását célzó vizsgálatok középpontjába (GenBank Accession No. AJ318490). Hasonló, tejtermelésre ható tejfehérje genotípusokról számolt be *Baranyi és mtsai* (1992), *Vági és mtsai* (2000) akik α_{S1} -, β - és κ -kazein, valamint β -laktoglobulin genotípusokat vizsgáltak hazai szarvasmarha állományokban. Utóbbi közleményben a szerzők eredményei szerint a vizsgált tejfehérje genotípusok közül a κ -kazein és a β -laktoglobulin tejtermelésre és szaporaságra gyakorolt hatása jelentősebb, mint a α_{S1} - és a β -kazein hatása. *Kovács és mtsai* (2002) a szarvasmarha szomatotropin (növekedési hormon) gén Alul polimorfizmusának hatását vizsgálták hazai holstein-fríz bikanevelő tehének termelési tulajdonságaira. A növekedési hormon ugyanis kulcsszerepet játszik a táplálóanyag hasznosításban, a tőgy növekedésében és fejlődésében.

1. ábra A szarvasmarha DGAT1 exon, intron struktúrája



Forrás: *Winter és mtsai, 2002*

A fehér négyzetek a nem kódoló szakaszt, a szürke négyzetek pedig a kódoló szakaszokat jelölik. A vízszintes vonalak reprezentálják az intronokat. A nyíl a 8-as exonon lévő K232A polimorfizmus helyét jelöli

Figure 1. Exon – intron structure of bovine DGAT1 (Winter et al, 2002)

Boxes represent exons; white boxes are untranslated regions and gray, numbered boxes are coding regions. The horizontal lines represent the introns. The arrow indicate K232A polymorphism in exon 8 position number of exons (1); size of exons (bp) (2); size of ontrons (bp) (3)

A DGAT1 egy mikroszómális enzim, amely a triglicerid szintézis utolsó lépését katalizálja (*Cases és mtsai, 1998*). *Grisart és mtsai (2002)* a szarvasmarha 14. kromoszómájának térképezésekor, 3cM pontossággal azonosították az elsősorban a tej zsírtartalmára ható DGAT1 gént a kromoszóma centromér régiójában. A szarvasmarha DGAT1 gén szekvenálása teljes mértékben megtörtént (több faj esetében is), beleértve 3500bp-nyi upstream és 1900 bp-nyi downstream szekvencia szakaszt. A kódoló szekvencia mind a szarvasmarha mind az ember esetében 1470 bp méretű, mely 17 exonból és azokat elválasztó 16 intronból áll. A DGAT1 gén exon intron struktúráját szemlélteti az 1. ábra.

1. táblázat

A DGAT1 polimorfizmus megoszlása a különböző holstein-friz és jersey populációkban

	Fajta (1)	N (2)	Ivar (3)	Allél gyakoriság (4)		Hivatkozás (5)
				AA	GC	
holstein-friz	Német (6)	1291	♂	0,549	0,451	<i>Kaupe és mtsai (2007)</i>
		200	♂	0,37	0,63	
		66	♂	0,40	0,60	<i>Citek és mtsai (2007)</i>
		79	n.a.	0,42	0,58	<i>Kaupe és mtsai (2004)</i>
		858	♂	0,548	0,452	<i>Thaller és mtsai (2003)</i>
		40	♂	0,35	0,65	<i>Winter és mtsai (2002)</i>
	Holland (7)	1818	♂	0,63	0,37	<i>Grisart és mtsai (2002)</i>
		1762	♀	0,40	0,60	<i>Schennink és mtsai (2007)</i>
		1745	♀	0,40	0,60	<i>Demeter és mtsai (2009)</i>
	Új-zélandi (8)	1527	♂	0,60	0,40	<i>Spelman és mtsai (2002)</i>
		529	♀	0,30	0,60	<i>Grisart és mtsai (2002)</i>
	Francia (9)	2083	♂+♀	0,369	0,631	<i>Gautier és mtsai (2007)</i>
	Brit (10)	49	n.a.	0,03	0,97	<i>Kaupe és mtsai (2004)</i>
	Ír (11)	848	♂	0,32	0,68	<i>Berry és mtsai (2010)</i>
	Lengyel (12)	244	♂	0,65	0,35	<i>Pareek és mtsai (2005)</i>
		213	♀	0,48	0,52	
177		♀	0,40	0,60	<i>Strzalkowska és mtsai (2005)</i>	
89		♂	0,54	0,46	<i>Nowacka-Woszuk és mtsai (2008)</i>	
Svéd (13)	96	♀	0,14	0,86	<i>Näslud és mtsai (2008)</i>	
Olasz (14)	116	♂+♀	0,254	0,746	<i>Scotti és mtsai (2010)</i>	
Indiai (15)	281	♂	0,59	0,41	<i>Patel és mtsai (2009)</i>	
Brazil (16)	50	♂	0,27	0,73	<i>Lacorte és mtsai (2006)</i>	
jersey	Európai jersey (17)	10	n.a.	0,65	0,35	<i>Ripoli és mtsai (2006)</i>
	Brit (18)	47	n.a.	0,69	0,31	<i>Kaupe és mtsai (2004)</i>
	Lengyel (19)	100	♀	0,83	0,17	<i>Komisarek és mtsai (2004)</i>
	Német (20)	7	♂	0,71	0,29	<i>Winter és mtsai (2002)</i>
	Új-zélandi (21)	1053	♂	0,88	0,12	<i>Spelman és mtsai (2002)</i>

Table 1: Distribution of DGAT1 polymorphism in different cattle breeds

variety (1); ♂ – males; ♀ – females (2); number of animals (3); allele AA, GC(4); reference (5); German (6); Dutch (7); New Zealand (8); French (9); British (10); Irish (11); Polish (12); Swedish (13); Italian (14); Indian (15) Holstein Frisian; Brazilian (16); European Jersey (17); British (18); Polish (19); German (20); New Zealand (21); Jersey cattle breeds.

Az ábrán látható 8-as exon területén lévő, 10433 és 10434 pozíciójú AA/GC dinukleotid szubsztitúcióból ered (lizin/alanin (K232A) aminosav szubsztitúció) a DGAT1 gén tejtermelésre kifejett hatása, amelyet már több szerző is bizonyított és szignifikáns különbségeket állapítottak meg a tejszír, a tejfehérje és a tejmentenyiség vonatkozásában (*Grisart és mtsai, 2002; Winter és mtsai, 2002*). *Winter és mtsai (2002)* leírták, hogy az alanin variánsok esetében a 232-es pozícióban lévő alanin nagy valószínűséggel negatív hatással van a DGAT zsírsav-CoA megkötő képességére. Tehát ezzel magyarázható, hogy az alanin variáns (GC/GC) egyedek alacsonyabb zsírtartalmú tejet termelnek. A lizin variánsok a hatékonyabb zsír szintézist képviselhetik, hiszen a tanulmány szerint a lizin variánsoknál következetesen magasabb volt a tej zsírtartalma, mint az alanin variánsok esetében.

Napjainkra az SNP kutatások (köztük a DGAT1) új lehetőséget kínálnak a genomvizsgálatokon alapuló tenyészállat kiválasztásban, azaz a genomszelekcióban. Ami azért is fontos, mert a genom alapú tenyészérték felhasználásával nagyobb mértékű genetikai előrehaladás érhető el. A hatékony és gyors genotipizáló eszközök megjelenésével lehetővé vált egy genomban akár több tízezer SNP (single nucleotide polymorphism – egy pontos nukleotid-polimorfizmus) azonosítása.

Számos publikáció számolt be a DGAT1 gén tejtermelésre kifejett hatásáról a különféle szarvasmarha fajtákban. A következő táblázat (*1. táblázat*) a DGAT1 allélgyakoriságokat szemlélteti a különböző országokból származó holstein-fríz és jersey szarvasmarha fajták esetében.

A jelen vizsgálat célja a holstein-fríz és jersey szarvasmarha fajták egy-egy populációjában a DGAT1 polimorfizmus, valamint a genotípus és a tejtermelés összefüggésének vizsgálata.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálathoz 2 telepen 417, legalább három laktációt zárt holstein-fríz tejelő tehéntől vettünk vérmintát, valamint 341 szőrmintát legalább két laktációt zárt jersey tejelő tehéntől. A vérmintákat NaEDTA-s vérvételi csövekben -20°C -on tároltuk a DNS kinyeréséig. A DNS izolálása a *Zsolnai és mtsai (2003)* által ismertett módszer szerint történt. A genomiális DNS izolálása szőrhagymából FAO/IAEA (2004) (FAO/IEAE Inter-regional Training course on Molecular Methods in Livestock Genetics and Breeding) ajánlása szerint történt.

A vér- és szőrminták tipizálásához Rotor Gene RG 3000 típusú Real-Time PCR készüléket (Corbett Research) és TaqMan alléldiszkriminációs módszert használtunk. A használt primerek és jelzett próbák, valamint az amplifikáció paraméterei megfeleltek a *Schennink és mtsai. (2007)* által publikáltaknak. A tehének tejtermelési adatait az első és a második, ill. harmadik laktáció során az Állattenyésztési Teljesítményvizsgáló Kft. által havonta végzett befejések adatai alapján értékeltük. A vizsgált polimorfizmus feltételezett hatásainak elemzéséhez az állatok 305 napos laktációs adatait (tejhozam (kg), tejszír (kg, %), tejfehérje (kg, %)), valamint a legnagyobb napi tejhozamát (kg) és a befejések átlag tejhozamát (kg) használtuk. A statisztikai analízist SPSS 14.0 Windows szoftver segítségével végeztük. A vizsgált lokusz (DGAT1), valamint a termelési adatok közötti feltételezett kapcsolat felderítésére többtényezős varianciaanalízis, Általános Lineáris Modell

(GLM) és a legkisebb négyzetes különbségek (Fisher-féle LSD) (LSD: least square differences) módszerét, illetve nem homogén varianciák esetében Tamhane-féle tesztet alkalmaztuk. A populációt genetikai egyensúlyának vizsgálatához az elméletileg várt genotípus-gyakoriságokat a tapasztalt genotípus-gyakoriságok felhasználásával a Hardy-Weinberg szabály alapján határoztuk meg.

Az értékelés során a tehenek DGAT1 genotípusát, születési évét és laktáció sorszámát, fix hatásnak tekintettük, a genotípus hatásának elemzéséhez az utóbbiakra – azok zavaró hatásának kiszűrése érdekében – korrekciót alkalmaztunk. A faktorok hatásainak mértékét a leggyakrabban használt többváltozós varianciaanalízis módszerével (U-próba, más néven Wilks' Lambda módszer) számítottam ki. A Wilks-féle lambda egy olyan tesztstatisztika, melyet a többváltozós varianciaanalízis esetében használnak annak vizsgálatára, hogy vannak-e különbségek a csoportosító változó által kialakított csoportok átlagai között.

Az általános lineáris modell matematikai képlete mindkét fajta esetében a következő volt:

$$y_{ijk} = \mu + DGAT1_i + \text{laktáció száma}_j + \text{születési év}_k + e_{ijk}$$

ahol y a vizsgált tulajdonság fenotípusos megnyilvánulása, μ az általános átlag, $DGAT1_i$ az állat DGAT1 genotípusa (AA/AA, AA/GC, GC/GC), a *laktáció száma* a lezárt laktációk számára utal, valamint az adott állat *születési évén* túl e a maradék hiba.

EREDMÉNYEK ÉS MEGBESZÉLÉSÜK

Holstein-fríz fajta esetében az AA allél (lizin variáns) gyakorisága 0,22; a GC allél (alanin variáns) pedig 0,78; míg a jersey fajtánál 0,81 (AA) és 0,19 (GC) volt. Holstein-fríz fajta esetében a három genotípus megoszlása 4,32% (AA/AA); 35,49% (AA/GC); 60,19% (GC/GC) volt, a jersey fajtánál a következőképpen alakult: 68,33% (AA/AA); 25,22% (AA/GC); 6,45% (GC/GC) (2. táblázat).

2. táblázat

A vizsgált holstein-fríz és jersey tehenek genotípus és allélgyakorisága

	Genotípus(3)			Allél(4)	
	AA/AA	AA/GC	GC/GC	AA	GC
holstein-fríz (1)	4,32%	35,49%	60,19%	0,22	0,78
jersey (2)	68,33%	25,22%	6,45%	0,81	0,19

Table 2. Genotype distribution and allele frequencies in Holstein Friesian and Jersey cows
Holstein-Friesian (1); Jersey (2); genotype AA/AA, AA/GC, GC/GC (3); allele AA, GC (4)

A Hardy-Weinberg egyensúlyt a χ^2 érték kiszámolásával vizsgáltuk, mely a holstein-fríz fajta esetében a $\chi^2 = 0,327$; a jersey fajta esetében a $\chi^2 = 12,133$ volt. Ez utóbbi magas χ^2 érték az alacsony szignifikancia szinttel párosulva azt jelenti, hogy a populáció (jersey) nincs genetikai egyensúlyban, vagyis, hogy a tejtermelésre irányuló szelekció a DGAT1 géneloszlást is megváltoztatta.

A kísérleteink során tapasztalt allélgyakoriságok a holstein-fríz fajta esetében megfelelnek többek között *Lacorte és mtsai* (2006) eredményeinek, akik 50 brazil holstein-fríz szarvasmarhánál 0,27; valamint *Berry és mtsai* (2010) eredményeinek akik, 848 ír holstein-fríz esetében 0,32 allélgyakoriságot figyelt meg a lizint kódoló allél esetében. Német holstein-fríz fajtában *Winter és mtsai* (2002) vizsgálataik során 0,35; *Kaupe és mtsai* (2007) 0,37 allélgyakoriságot tapasztaltak az AA allél esetében. Számos irodalmi adat áll rendelkezésünkre a holstein-fríz fajta esetében a DGAT1 gén (lizin ill. alanin variáns) allélgyakorisági értékeire vonatkozóan. Az 1. táblázat jól szemlélteti, hogy mennyire széles skálán mozognak az értékek, hiszen az általunk mért allélgyakoriságoknál magasabb értékeket is tapasztaltak már. *Spelman és mtsai* (2002) 1527 új-zélandi holstein-fríz vizsgálatakor 0,60; *Pareek és mtsai* (2005) 244 lengyel holstein-fríz esetében 0,65-ös allélgyakoriságot figyelt meg a lizint kódoló allél esetében.

Jersey fajtában az AA allél (lizin variáns) gyakorisága magasabb értéket mutatott, mint a holstein-fríz fajta esetében. Az általunk leírt AA allélgyakorisági érték megfelel *Komisarek és mtsai* (2004) eredményeinek akik, 100 jersey szarvasmarha vizsgálatakor 0,83 (lizin variáns) míg *Spelman és mtsai* (2002) 1053 új-zélandi jersey szarvasmarha vizsgálata során 0,88 (lizin variáns) allélgyakoriságot tapasztaltak. 47 jersey szarvasmarha vizsgálatakor *Kaupe és mtsai* (2004) 0,69 allélgyakoriságot figyelt meg a lizint kódoló allél esetében.

3. táblázat

A vizsgált tejtermelési paraméter legkisebb négyzetes átlaga és a standard hiba értéke az eltérő DGAT1 genotípus csoportok között holstein-fríz fajtában

	AA/AA	AA/GC	GC/GC
	LSM±SE		
305 napos tejhozam (kg)(1)	8792,74 ± 310,43a	9176,44 ± 141,72a	9803,89 ± 130,35b
305 napos tejszír (%) (2)	4,03 ± 0,07a	3,81 ± 0,03b	3,58 ± 0,03c
305 napos tejszír (kg)(3)	350,99 ± 11,57	348,37 ± 5,28	350,72 ± 4,86
305 napos tejfehérje (%) (4)	3,36 ± 0,03a	3,26 ± 0,01b	3,21 ± 0,01c
305 napos tejfehérje (kg)(5)	293,57 ± 9,03a	297,51 ± 4,12a	313,19 ± 3,79b
Legnagyobb napi befejés (kg)(6)	38,27 ± 1,12a	39,36 ± 0,51a	41,24 ± 0,47b
Átlagos napi befejés (kg)(7)	29,63 ± 1,05a	30,94 ± 0,48a	33,20 ± 0,44b

a, b: A különböző betűvel jelölt értékek szignifikánsan eltérnek egymástól $p < 0,05$

Table 3. Least square means and standard errors of some milk production parameters in DGAT1 genotype groups in Hungarian Holstein-Friesian cows

(a, b: different characters indicate significant differences between genotypes)

305-day milk yield (1); 305-day milk fat % (2); 305-day milk fat yield (3); 305-day milk protein % (4); 305-day milk protein yield (5); max. amount of daily milk yield (6); mean amount of daily milk yield (7)

A holstein-fríz szarvasmarha fajta esetében a statisztikai elemzés a 305 napos termelési adatok (tejhozam, tejszír %, tejfehérje %, tejfehérje kg), a legnagyobb napi tej- és átlag napi tejmennyiség, valamint a DGAT1 genotípusok között szignifikáns kapcsolatot mutatott (3. táblázat). Az AA/AA genotípusú egyedek esetében szignifikánsan alacsonyabb ($p < 0,05$) 305 napos tejmennyiséget (kg), 305

napos tejfehérje mennyiséget (kg), legnagyobb napi tejmennyiséget (kg), valamint átlagos napi tejmennyiséget (kg) tapasztaltunk, mint a GC/GC genotípusú állatok esetében. Szignifikáns ($p < 0,05$) összefüggést lehetett kimutatni a 305 napos tejszír %, a 305 napos tejfehérje % és a DGAT1 genotípusok között is. Az AA/AA genotípusú tehenek esetében szignifikánsan magasabb ($p < 0,05$) 305 napos tejszír %-ot és 305 napos tejfehérje %-ot tapasztaltunk a másik két genotípust hordozó állatok értékeihez képest. Ezt a megállapítást *Grisart és mtsai (2002)*; *Spelman és mtsai (2002)*; valamint *Thaller és mtsai (2003)* által elért eredmények is megerősítik, melyek szerint a lizin variánst hordozó egyedek esetében magasabb tejszír arány és mennyiség volt kimutatható, ugyanakkor ez a tejhozam, illetve a tejfehérje mennyiség (kg) csökkenésével párosult. Ezt a negatív korrelációt mindhárom szerző igazolta.

Jersey fajtánál a 305 napos tejtermelési adatok (tejhozam (kg), tejszír %, tejszír kg, a tejfehérje %, tejfehérje kg) és az átlag napi tejmennyiség (kg), valamint a DGAT1 genotípusok között szintén szignifikáns kapcsolat volt kimutatható (4. táblázat).

4. táblázat

A vizsgált tejtermelési paraméter legkisebb négyzetes átlaga és a standard hiba értéke az eltérő DGAT1 genotípus csoportok között jersey fajtában

	AA/AA	AA/GC	GC/GC
	LSM±SE		
305 napos tejhozam (kg)(1)	4659,26 ± 170,19a	4786,26 ± 180,23a	4389,86 ± 205,48b
305 napos tejszír (%) (2)	5,43 ± 0,13a	5,12 ± 0,13b	5,05 ± 0,15b
305 napos tejszír (kg)(3)	252,81 ± 8,79a	242,98 ± 9,31b	218,86 ± 10,62c
305 napos tejfehérje (%) (4)	3,91 ± 0,05a	3,81 ± 0,05b	3,78 ± 0,06b
305 napos tejfehérje (kg)(5)	182,97 ± 6,43a	182,52 ± 6,81a	165,65 ± 7,76b
Legnagyobb napi befejés (kg)(6)	20,83 ± 0,71	21,36 ± 0,75	20,44 ± 0,85
Átlags napi befejés (kg)(7)	15,92 ± 0,60a	16,35 ± 0,64b	14,87 ± 0,73b

a, b: A különböző betűvel jelölt értékek szignifikánsan eltérnek egymástól $p < 0,05$

Table 3. Least square means and standard errors of some milk production parameters in DGAT1 genotype groups in Jersey cows

(a, b: different characters indicate significant differences between genotypes)
305-day milk yield (1); 305-day milk fat % (2); 305-day milk fat yield (3); 305-day milk protein % (4); 305-day milk protein yield (5); max. amount of daily milk yield (6); mean amount of daily milk yield (7)

Az AA/AA genotípusú egyedek esetében szignifikánsan magasabb ($p < 0,05$) 305 napos tejmennyiséget (kg), 305 napos tejfehérje mennyiséget (kg) tapasztaltunk, mint a GC/GC genotípusú állatok esetében. Az AA/AA genotípusú tehenek esetében szignifikánsan magasabb ($p < 0,05$) 305 napos tejszír %-ot és 305 napos tejfehérje %-ot tapasztaltunk a másik két genotípust hordozó állatok eredményeihez képest. Az AA/AA genotípusú tehenek 305 napos tejszír mennyisége (kg) szignifikánsan magasabb ($p < 0,05$) volt a másik két genotípust hordozó állatok értékeinél, ahol az AA/GC és GC/GC egyedek között is szignifikáns különbséget tapasztaltunk. Az AA/AA genotípusú egyedek esetében szignifikánsan alacsonyabb

nyabb ($p < 0,05$) átlagos napi tejmenntiséget (kg) tapasztaltunk, mint a AA/GC genotípusú állatok esetében, ugyanakkor szignifikánsan magasabb ($p < 0,05$) értéket mint a GC/GC genotípusú egyedek esetében. *Spelman és mtsai* (2002) eltérő eredményekről számolt be jersey szarvasmarhákkal végzett kísérleteiben, ahol a lizin variánst hordozó egyedek esetében alacsonyabb tej-és tejfehérje mennyiség, valamint magasabb tejsír mennyiséget tapasztalt. *Komisarek és mtsai* (2004) szintén erre az eredményre jutottak, valamint a lizin változatot hordozó egyedek esetében szignifikánsan magasabb tejsír %-ot és tejfehérje %-ot tapasztaltak.

Mindezek alapján megállapíthatjuk, hogy az AA allél a holstein-fríz fajta esetében pozitív hatással van a tejsír mennyiségére és arányára és negatív hatással a 305 napos tejhozamra, valamint a 305 napos tejfehérje mennyiségre. A jersey fajta esetében a lizin variánsnak pozitív hatása van a 305 napos tejhozamra, a tejfehérje hozamra, valamint a tejsír mennyiségére egyaránt.

Az AA alléli tejsír termelésre kifejtett pozitív hatása egyértelműen dokumentált és ezt jelenlegi vizsgálati eredményeink is alátámasztják. Ezen ismeretek birtokában fontos, hogy ne csak a kutatások során, hanem a tenyésztési gyakorlatban is hasznosítsuk a szóban forgó gént, mint markert, a tejelő állományok előszelekciójában.

Vizsgálatainkat az OTKA (78174) ill. a NKFP (4/025/2005) támogatásával végeztük.

IRODALOMJEGYZÉK

- Baranyi M. – Bősze Zs. – Buchberger, J. – Krause, I.* (1992): Tejfehérje genetikai polimorfizmus vizsgálata magyar tarka és magyar szürke szarvasmarha fajtákban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 41. 427–439.
- Berry, D.P. – Howard, D. – O'Boyle, P. – Waters, S. – Kearney, J.F. – McCabe, M.* (2010): Associations between the K232A polymorphism in the diacylglycerol-O-transferase 1 (DGAT1) gene and performance in Irish Holstein-Friesian dairy cattle. *Irish J. Agric. Food Res.*, 49. 1–9.
- Cases, S. – Smith, S.J. – Zheng, Y.W. – Myers, H.M. – Lear, S.R. – Sande, E. – Novak, S. – Collins, C. – Welch, C.B. – Lusi, A.J.* (1998): Identification of a gene encoding an acyl CoA:diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95. 13018–13023.
- Citek, J. – Rehout, V. – Hradecka, E. – Vecerek, L. – Panicke, L.* (2007): The breeding values of German Holstein sires and the DGAT1 polymorphism. *Arch. Anim. Breed. Genet.*, 15. 136–146.
- Demeter, R. M. – Schopen, G. C. B. – Oude Lansink, A. G. J. M. – Meuwissen, M. P. M. – van Arendonk, J. A. M.* (2009): Effects of milk fat composition, DGAT1, and SCD1 on fertility traits in Dutch Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, 92. 5720–5729.
- FAO/IEAE* (2004): *FAO Handbook of laboratory Exercise. FAO/IEAE Interregional Training course on Molecular Methods in Livestock Genetics and Breeding. Seibersdorf Austria* 18.
- Gautier, M. – Capitan, A. – Fritz, S. – Eggen, A. – Boichard, D. – Druet, T.* (2007): Characterization of the DGAT1 K232A and variable number of tandem repeat polymorphisms in French dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 90. 2980–2988.
- Grisart, B. – Coppieters, W. – Farnir, F. – Karim, L. – Ford, C. – Berzi, P. – Cambisano, N. – Mni, M. – Reid, S. – Simon, P. – Spelman, R. – Georges, M. – Snell, R.* (2002): Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.*, 12. 222–231.
- IBM Statistics SPSS Inc. 2005; SPSS 14.0 for Windows*
- Kaube, B. – Winter, A. – Fries, R. – Erhardt, G.* (2004): DGAT1 polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *J. Dairy Res.*, 7. 182–187.

- Kaupe, B. – Brandt, H. – Prinzenberg, E.M. – Erhardt, G. (2007): Joint analysis of the influence of CYP11B1 and DGAT1 genetic variation on milk production, somatic cell score, conformation, reproduction, and productive lifespan in German Holstein cattle. *J. Anim. Sci.*, 85, 11–21.
- Komisarek, J. – Was'kowicz, K. – Michalak, A. – Dorynek, Z. (2004): Effects of DGAT1 variants on milk production traits in Jersey cattle. *Anim. Sci. Papers Rep.*, 22, 307–313.
- Kovács K. – Zsolnai A. – Bölskey K. – Györkös I. – Fésüs L. (2002): A szarvasmarha szomatotropin gén Alul polimorfizmusa és a termelési tulajdonságok közötti összefüggés magyarországi holstein-fríz bikanevelő tehenekben. *Állattenyésztés és takarmányozás*, 51, 1–7.
- Központi Statisztikai Hivatal (KSH), Mezőgazdaság 2010
- Lacorte, G.A. – Machado, M.A. – Martinez, M.L. – Campos, A.L. – Maciel, R.P. – Verneque, R.S. – Teodoro, R.L. – Peixoto, M.G. – Carvalho, M.R. – Fonseca, C.G. (2006): DGAT1 K232A polymorphism in Brazilian cattle breeds. *Genet. Mol. Res.*, 31, 475–482.
- Näslund, J. – Fikse, W.F. Pielberg, G.R. – Lunde n, A. (2008): Frequency and Effect of the Bovine Acyl-CoA:Diacylglycerol Acyltransferase 1 (DGAT1) K232A Polymorphism in Swedish Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.*, 91, 2127–2134.
- Nowacka-Woszek, J. – Noskowiak, A. – Strabel, T. – Jankowski, T. – S'wito'nski, M. (2008): An effect of the DGAT1 gene polymorphism on breeding value of Polish Holstein-Friesian sires. *Anim. Sci. Papers Rep.*, 26, 17–23.
- Pareek, C.S. – Czarnik, U. – Zabołewicz, T. – Pareek, R.S. – Walawski, K. (2005): DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide polymorphism in Polish Black-and-White cattle. *J. Appl. Genet.*, 46, 85–87.
- Patel, R.K. – Chauhan, J.B. – Soni, K.J. – Singh, K.M. (2009): Genotype and Allele Frequencies of DGAT 1 Gene in Indian Holstein Bulls. *J. ,* 3, 385–388.
- Ripoli, M. V. – Corva, P. – Giovambattista, G. (2006): Analysis of a polymorphism in the DGAT1 gene in 14 cattle breeds through PCR-SSCP methods. *Res. Vet. Sci.*, 80, 287–290.
- Schennink, A. – Stoop, W.M. – Visker, M.H. – Heck, J.M. – Bovenhuis, H. – Van Der Poel, J.J. – Van Valenberg, H.J. – Van Arendonk, J.A. (2007): DGAT1 underlies large genetic variation in milk-fat composition of dairy cows. *Anim. Genet.*, 38, 467–473.
- Scotti, E. – Fontanesi, L. – Schiavini, F. – La Mattina, V. – Bagnato, A. – Russo, V. (2010): DGAT1 p.K232A polymorphism in dairy and dual purpose Italian cattle breeds. *Ital. J. Anim. Sci.*, 9, 79–82.
- Spelman, R.J. – Ford, C.A. – McElhinney, P. – Gregory, G.C. – Snell, R.G. (2002): Characterization of the DGAT1 gene in the New Zealand dairy population. *J. Anim. Sci.*, 85, 3514–3517.
- Strzalkowska, N. – Siadkowska, E. – Sloniewski, K. – Krzyzewski, J. – Zwierzchowski, L. (2005): Effect of the DGAT1 gene polymorphism on milk production traits in Black-and-White (Friesian) cows. *Anim. Sci. Papers Rep.*, 23, 189–197.
- Thaller, G. – Kühn, C. – Winter, A. – Ewald, G. – Bellmann, O. – Wegner, J. – Zühlke, H. – Fries, R. (2003): DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. *Anim. Genet.*, 34, 354–357.
- Vági J. – Baranyi M. (2000): A tejfehérje genotípusok kapcsolata a tehenek tejtermelésével és fertilitásával holstein-fríz, magyartarka és keresztezett állományokban. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 49, 107–119.
- Winter, A. – Kramer, W. – Werner, F. – Kollers, S. – Kata, S. – Durstewitz, G. – Buitkamp, J. – Womack, J. – Thaller, G. – Fries, R. (2002): Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-Co A: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proc. Natl. Acad. USA*, 99, 9300.
- www.animalgenome.org
- Zsolnai A. – Anton I. – Kühn C. – Fésüs L. (2003): Detection of single-nucleotide polymorphisms coding for three ovine prion protein variants by primer extension assay and capillary electrophoresis. *Electrophoresis*, 24, 634–638.

Érkezett: 2011. július

Szerzők címe: Farkas V. – Szabó F.
Pannon Egyetem GK

Authors' address: University of Pannonia, Georgikon Faculty
H-8360 Keszthely, Deák F. u. 16.

Holló G.
Kaposvári Egyetem, Állattudományi Kar
University of Kaposvár, Faculty of Animal Sciences
H-7400 Kaposvár, Guba S. u. 40.

Anton I. - Kovács K. – Zsolnai A.
Állattenyésztési és Takarmányozási Kutatóintézet
Research Institute for Animal Breeding and Nutrition
H-2053 Herceghalom, Gesztenyés u. 1.